

Національна академія наук України
Інститут молекулярної біології і генетики
Українське товариство генетиків і селекціонерів
ім. М.І. Вавилова

ФАКТОРИ ЕКСПЕРИМЕНТАЛЬНОЇ ЕВОЛЮЦІЇ ОРГАНІЗМІВ

**ФАКТОРЫ ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНОЙ
ЭВОЛЮЦИИ ОРГАНИЗМОВ**

**FACTORS IN EXPERIMENTAL
EVOLUTION OF ORGANISMS**

Збірник наукових праць

Видається з 2003 р.

ТОМ 22

Присвячено

*100-річчю від часу заснування Національної академії наук
України*

Київ – 2018

РЕДАКЦІЙНА КОЛЕГІЯ

Головний редактор **В.А. Кунах**

Заступник головного редактора **Н.М. Дробик**

І. В. Азізов (Азербайджан)	І.С. Карпова	М.А. Пілінська
А. Атанасов (Болгарія)	А. В. Кільчевський (Білорусь)	В.Г. Радченко
Я.Б. Блюм	І.А. Козерецька	С.Ю. Рубан
Р.А. Волков	В.А. Кордюм	А.А. Сибірний
Т.К. Горова	О.І. Корнелюк	В.А. Сідоров (Україна–США)
Н.Г. Горovenко	М.В. Кучук	О.О. Созінов
В. А. Драгавцев (Росія)	Л.Л. Лукаш	Т.К. Терновська
О.В. Дубровна	С.С. Малюта	О.М. Тищенко
Г.В. Єльська	В.Г. Михайлов	Г.Федак (Канада)
	В.В. Моргун	

Відповідальний секретар – **М.З. Мосула**

Адреса редакції:

Інститут молекулярної біології і генетики НАНУ, вул. Акад. Заболотного, 150, Київ, 03680
e-mail: kunakh@imbg.org.ua http://www.utgis.org.ua

Editorial board

Editor-in-Chief **V.A Kunakh**

Deputy editor **N.M. Drobyk**

I. V. Azizov (Azerbaijan)	I.S. Karpova	M.A. Pilinska
A. Atanasov (Bulgaria)	A. V. Kilchevsky (Belarus)	V.G. Radchenko
Ya.B. Blume	I.A. Kozeretska	S.Yu. Ruban
R.A. Volkov	V.A. Kordium	A.A. Sibirny
T.K. Gorova	O.I. Kornelyuk	V.A. Sidorov (Ukraine–USA)
N.G. Gorovenko	N.V. Kuchuk	O.O. Sozinov
V. A. Dragavtsev (Russia)	L.L. Lukash	T.K. Ternovska
O.V. Dubrovna	S.S. Maliuta	O.M. Tyshchenko
A.V. El'ska	V.G. Mykhailov	G. Fedak (Canada)
	V.V. Morgun	

Responsible secretary – **M.Z. Mosula**

Editorial office address:

Institute of Molecular Biology and Genetics, National Academy of Sciences of Ukraine, 150,
Zabolotnoho street, Kyiv, 03680
e-mail: kunakh@imbg.org.ua http://www.utgis.org.ua

**Затверджено до друку рішенням вченої ради Інституту молекулярної біології
і генетики НАН України (протокол № 6 від 12 червня 2018 р.)**

Свідоцтво про державну реєстрацію друкованого засобу масової інформації
серія КВ № 20936-10736ПР від 29.08.2014

Ф 18 **Фактори експериментальної еволюції організмів:** зб. наук. пр. / Національна академія наук України, Інститут молекулярної біології і генетики, Укр. т-во генетиків і селекціонерів ім. М.І. Вавилова; редкол.: В.А. Кунах (голов. ред.) [та ін.]. – К.: Укр. т-во генетиків і селекціонерів ім. М.І. Вавилова, 2018. – Т. 22. – 386 с. – ISSN 2415-3826 (Online), ISSN 2219-3782 (Print)

УДК 575.8+631.52+60](082)

©Українське товариство генетиків
і селекціонерів ім. М.І. Вавилова

ФАКТОРИ ЕКСПЕРИМЕНТАЛЬНОЇ
ЕВОЛЮЦІЇ ОРГАНІЗМІВ

ТОМ 22

2018

ФАКТОРЫ ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНОЙ ЭВОЛЮЦИИ ОРГАНИЗМОВ
FACTORS IN EXPERIMENTAL EVOLUTION OF ORGANISMS

ЗМІСТ

CONTENTS

<i>Від головного редактора</i> Започаткування генетичних та генетико-селекційних досліджень в Україні (до 100-річчя від часу заснування Національної Академії Наук України)	10	<i>From the chief editor's desks</i> Prevention of genetics and breeding research in Ukraine (to 100 years from the time of the National Academy of Sciences of Ukraine)
ЗАГАЛЬНА ТА ПОПУЛЯЦІЙНА ГЕНЕТИКА		GENERAL AND POPULATION GENETICS
<i>Ведмедева К.В.</i> Наследования признака ветвления в коллекции подсолнечника (<i>Helianthus annuus</i> L.)	22	<i>Vedmedeva K.V.</i> Inheritance of branching in sunflower (<i>Helianthus annuus</i> L.)
<i>Герман Е.Ю.</i> Формирование эффекта свидетеля в корневой меристеме проростков при совместном проращивании облученных и необлученных семян	28	<i>German O.Yu.</i> Bystander effect formation in the sprout root meristem in condition of irradiated and non-irradiated seeds joint growing
<i>Городнянский И.Д., Воробьева Л.И.</i> Влияние подавления внутренней микрофлоры тетрациклином на уровень проявления гибридного дисгенеза <i>Drosophila melanogaster</i>	34	<i>Gorodnyanski I.D., Vorobyova L.I.</i> Effect of suppression of internal microflora by tetracycline on the level of manifestation of the hybrid dysgenesis of <i>Drosophila melanogaster</i>
<i>Горпинченко М.Ю., Атраментова Л.О.</i> Характеристики Чернігівської популяції за даними прізвищ	40	<i>Gorpynchenko M.Yu., Atramentova L.A.</i> Characteristics of Chernigov's population by the presentation data
<i>Дронська Х.А., Явдик Х.М., Стасик О.Г., Матійців Н.П.</i> Моделювання хвороби Паркінсона на <i>D. melanogaster</i> : оксидативний стрес та роль ізогенізації трансгенних ліній	46	<i>Dronska K.A., Yavdyk K.M., Stasyk O.H., Matiytsiv N.P.</i> Modeling of Parkinson's disease on <i>D. melanogaster</i> : oxidative stress and the role of isogenization of transgenic lines

- Караман Г.С., Вайсерман О.М., Писарук А.В., Кошель Н.М., Мехова Л.В., Козерецька І.А. Вплив температури на личинковій стадії розвитку на тривалість життя *Drosophila melanogaster* 51 Karaman A.S., Vaiserman A.M., Pisaruk A.V., Koshel N.M., Mekhova L.V., Kozeretska I.A. Influence of the temperature during the larval stage of development on lifespan in *Drosophila melanogaster*
- Козак Н.А., Атраментова Л.А. Показатели естественного отбора в Харьковской популяции 56 Kozak N.O., Atramentova L.A. Indexes of natural selection in Kharkiv population
- Пасічник Т.В., Антонюк М.З., Терновська Т.К. Білковий поліморфізм компонентів схрещування при створенні пшеничних ліній з інтродуціями від *Triticum migushovae* Zhir. 62 Pasichnyk T.V., Antonyuk M.Z., Ternovska T.K. Protein polymorphism of cross components at development of common wheat lines with introgression from *Triticum migushovae* Zhir.
- Проніна О.В., Рушковський С.Р., Моргун Б.В., Демідов С.В. Вплив втрати мітохондріальної ДНК на розвиток складних структурованих колоній штаму SK1 дріжджів *Saccharomyces cerevisiae* 68 Pronina O.V., Rushkovsky S.R., Morgun B.V., Demidov C.V. Influence of mitochondrial DNA loss on the development of complex structured colonies of SK1 strains of yeast *Saccharomyces cerevisiae*
- Торяник В.М., Міронець Л.П. Фенотипічний поліморфізм *Harmonia axiridis* Pall. як інвазійного виду на території села Велика Чернеччина Сумського району Сумської області 74 Toryanik V.M., Mironets L.P. Phenotypic polymorphism *Harmonia axiridis* Pall. of invasive species on the territory of the cultivation of the Greater Chernykhychyan of the Sumy district of Sumsky area
- Gorenskaya O.V., Filiponenko N.S., Shkorbatov Yu.G. The lifespan of starving flies of different *Drosophila melanogaster* stocks: effects of caffeine and He-Ne laser light 80 Горенська О.В., Філіпоненко Н.С., Шкорбатов Ю.Г. Тривалість життя імаго *Drosophila melanogaster* при голодуванні: ефект кофеїну та опромінення He-Ne лазером
- Karelov A.V., Kozub N.A., Sozinov I.A. Genotyping of Ukrainian common wheat cultivars using the marker of the *Lr48* gene conferring moderate resistance to leaf rust 86 Карелов А.В., Козуб Н.О., Созінов І.О. Генотипування сортів пшениці м'якої української селекції за допомогою маркера гена *Lr48*, що забезпечує помірну стійкість до бурі іржі

МОЛЕКУЛЯРНА ГЕНЕТИКА ТА ГЕНОМІКА

- Антоненко С.В., Гур'янов Д.С., Кравчук І.В., Телегеев Г.Д. Аналіз клітинної локалізації РН домена Bcr-Abl з білком USP1 та розробка програми для оцінки їх сайтів фосфорилювання 90 Antonenko S.V., Gurianov D.S., Kravchuk I.V., Telegeev G.D. Analysis of cellular localization of PH domain of Bcr-Abl with USP1 protein and development of software for estimation of their phosphorylation sites
- Антонюк М.З., Єфіменко Т.С., Терновська Т.К. Мінливість у послідовності гена *Glu1* у популяціях пирію середнього як можлива адаптивна ознака 96 Antonyuk M.Z., Iefimenko T.S., Ternovska T.K. Polymorphism in the sequence of *Glu1* gene in populations of *Thinopyrum intermedium* as a possible adaptive trait

MOLECULAR GENETICS AND GENOMICS

- Балашенко Н.А., Семеняк А.А., Корнилко-
ва А.С., Сенькевич И.А., Прищепчик О.В.,
Дромашко С.Е. Генотипирование участка
мтДНК представителей подсемейства
Cetoniinae 102 *Balashenko N.A., Semenyak A.A., Kornilko-
va A.S., Sen'kevich I.A., Prishchepchik O.V.,
Dromashko S.E. Genotyping of the site of the
mtDNA of representatives of the Cetoniinae sub-
family*
- Воронова Н.В., Воробьёва М.М., Бондарен-
ко Ю.В. Вариабельность генов CYP4 и CYP6 у
тлей *Aphis fabae mordvilkoï* Börner & Janisch,
1922 108 *Voronova N.V., Varabyova M.M., Bandaren-
ka Y.V. CYP4 and CYP6 gene variability in ge-
nome of Aphis fabae mordvilkoï Börner & Ja-
nisch, 1922*
- Герашченко Г.В., Григорук О.В., Мевс Л.В.,
Кашуба В.І. PTEN-пов'язані зміни експресії
генів у пухлинах передміхурової залози лю-
дини 113 *Gerashchenko G.V., Grygoruk O.V., Mevs L.V.,
Kashuba V.I. PTEN-dependent changes of gene
expressions in human prostate tumors*
- Данкевич Л.А. Генетичне профілювання бак-
терій роду *Pseudomonas*, що уражують бобові
культури 120 *Dankevich L.A. Genetic profiling of bacteria be-
longs to genus Pseudomonas, what affects le-
gumes*
- Дромашко С.Е., Слуквін А.М., Конєва О.Ю.,
Ровба Е.А., Сасинович М.А., Шевцова С.Н.
Молекулярно-генетическое тестирование пре-
сноводных видов и пород животных (рыбы,
раки, моллюски) 126 *Dromashko S.E., Slukvin A.M., Koneva O.Yu.,
Rouba A.A., Sasinovich M.A., Shevtsova S.N. Mo-
lecular-genetic testing of freshwater species and
breeds of animals (fish, narrow-clawed crayfish,
mollusks)*
- Іващук Б.В., Пірко Я.В., Співак С.І.,
Ємець А.І., Калафат Л.О., Карелов А.В.,
Козуб Н.О., Блюм Я.Б. Молекулярно-
генетичний аналіз зразків пшениці українсь-
кого та закордонного походження на наяв-
ність генів стійкості до стеблової іржі 132 *Ivaschuk B.V., Pirko Ya.V., Spivak S.I., Ye-
mets A.I., Kalafat L.O., Karelov A.V., Kozub N.O.,
Blume Ya.B. Analysis of ukrainian and foreign
wheat samples for the presence of stem rust resis-
tance genes using molecular markers*
- Маменко Т.П., Сірант Л.В., Дикун М.О., По-
чинок В.М. Електрофоретичні спектри та ак-
тивність пероксидази у рослинах пшениці
різних сортів 138 *Mamenko T.P., Sirant L.V., Dikun M.O., Pochi-
nok V.M. Electrophoretic spectra and activity of
peroxidase in winter plants of different varieties*
- Матвієєва А.С., Ковалєвська Л.М., Кашу-
ба О.В. Фактор транскрипції SMAD4 локалі-
зовано у цитоплазмі В-клітин пацієнтів, хво-
рих на хронічний лімфолейкоз (ХЛЛ) 144 *Matvieieva A., Kovalevska L., Kashuba E. The
SMAD4 transcription factor shows cytoplasmic
retention in B-cells of patients with chronic lym-
phocytic leukemia (CLL)*
- Михайлова М.Е., Кирєєва А.І., Романиш-
ко Е.Л. Брахиспина – наследственная анома-
лия, снижающая плодовитость крупного рога-
того скота 149 *Mikhailova M.E., Kireeva A.I., Romanishko E.L.
Brahispina – hereditary anomaly reducing the
fertility of cattle*
- Нестеренко О.Г., Літвінов С.В., Раши-
дов Н.М. Зміна експресії білків під час взає-
модії сигнальних систем у проростків гороху
під впливом стресових факторів 154 *Nesterenko O.G., Litvinov S.V., Rashydov N.M.
The protein expression changes during the signal-
ing systems interaction in stressed pea seedlings*

- Оленева В.Д., Литвин Д.И., Емец А.И., Блюм Я.Б. Экспрессия кинезинов, вовлеченных в развитие аутофагии у *Arabidopsis thaliana*, и вклад ацетилирования тубулина во взаимодействие белка Atg8 с микротрубочками 162
- Olenieva V.D., Lytvyn D.I., Yemets A.I., Blume Ya.B. Expression profiling of kinesins, involved in the development of autophagy in *Arabidopsis thaliana*, and the role of tubulin acetylation in the interaction of Atg8 protein with microtubules
- Півень О.О. Оптимізація методу ChIP для дослідження регуляції генів-мішеней канонічного Wnt сигналіngu у новонародженому серці 169
- Piven O.O. Optimization of ChIP protocol for investigation of canonical Wnt target genes expression in new born heart
- Піскун Р.П., Шкарупа В.М., Гринчак Н.М., Спрут О.В., Васенко Т.Б. Геном як вища інформаційна характеристика біологічних видів 175
- Piskun R.P., Shkarupa V.M., Hrynychak N.M., Sprut O.V., Vasenko T.B. Genome as a top informational attribute of biological species
- Рабоконь А.М., Пірко Я.В., Калафат Л.О., Гузенко Є.В., Богданова М.В., Сакович В.І., Лемеш В.А., Блюм Я.Б. Поліморфізм довжин інтронів генів β -тубуліну у білоруських ландрас *Linum usitatissimum* L. 180
- Rabokon A.M., Pirko Ya.V., Kalafat L.O., Guzenko Ye.V., Bogdanova M.V., Sakovitch V.I., Lemesh V.A., Blume Ya.B. Intravarietal intron-length polymorphism of β -tubulin genes in belorussian landraces of *Linum usitatissimum* L.
- Радченко О.М., Сірант Л.В., Дикун М.О. Поліморфізм альфа-амілаз м'якої пшениці 186
- Radchenko O.M., Sirant L.V., Dykun M.O. Polymorphism of alpha-amylase of soft wheat
- Созінова О.І., Козуб Н.О., Созінов І.О., Блюм Я.Б. Генотипна специфічність праймерів до пуринолінових генів 191
- Sozinova O.I., Kozub N.A., Sozinov I.A., Blume Ya.B. Genome specificity of primers to purindoline genes
- Урбанович О.Ю., Кузмицька П.В. Изучение полиморфизма гена MDP0000151428 среди сортов и видов яблони 197
- Urbanovich O.Yu., Kuzmitskaya P.V. Studying the polymorphism of the gene MDP0000151428 among the varieties and species of apples
- Ostаш В.О., Ющук О.С., Кошла О.Т., Ребець Ю.В., Осташ І.С., Сегін Ю.В., Буше Т., Каліновські Й., Мют Г., Федоренко В.О. Elucidation of the genetic mechanisms contributing to moenomycin resistance in actinobacteria 203
- Ostаш B.O., Yushchuk O.S., Koshla O.T., Rebetz Y., Ostash I.S., Segin Yu.B., Bush T., Kalinowski J., Muth G., Fedorenko V.O. Vivchennya genetichnih mekhanizmv stiykosti do moenomitsynu v aktinobakteriy

МОЛЕКУЛЯРНІ ТА КЛІТИННІ БІОТЕХНОЛОГІЇ

- Білінська О.В., Дульнев П.Г. Вплив трофічних, осмотично активних та гелеутворювальних компонентів живильного середовища на прямий ембріодогенез у культурі пиляків *in vitro* ярого ячменю 210
- Belinskaya E.V., Dulnyev P.G. Effect of trophic, osmotically active and solidifying components of nutrient medium on the direct embryogenesis in spring barley anther culture *in vitro*
- Булко О.В., Льошина Л.Г. Уведення в культуру *in vitro* синюхи блакитної *Polemonium caeruleum* L. та скорцонери іспанської *Scorzonera hispanica* L. 216
- Bulko O.V., Lioshina L.G. Jacob's ladder *Polemonium caeruleum* L. and black salsify *Scorzonera hispanica* L. *in vitro* culture

MOLECULAR AND CELL BIOTECHNOLOGIES

- Гончарук О.М., Дубровна О.В. Отримання генетично-модифікованих рослин пшениці з гетерологічним геном орнітин-δ-амінотрансферази 222 Honcharuk O.M., Dubrovna O.V. Receiving of genetic-modified wheat plants with heterolous ornitin-δ-aminotransferase gene
- Деркач К.В., Борисова В.В., Малецький В.О., Сатарова Т.М. Здатність до калусогенезу *in vitro* у ліній кукурудзи плазми Ланкастер за варіювання умов довкілля 228 Derkach K.V., Borysova V.V., Maletskiy V.O., Satarova T.M. The ability of maize Lancaster inbreds to callusogenesis *in vitro* under varying environmental conditions
- Дмитрук О.В., Булботка Н.В., Сибірний А.А. Вивчення механізмів деградації фруктозо-1,6-бісфосфатази у метилотрофних дріжджів *Pichia pastoris* 235 Dmytruk O.V., Bulbotka N.V., Sibirny A.A. The mechanisms of fructose-1,6-bisphosphatase degradation in methylotrophic yeasts *Pichia pastoris*
- Жук І.В., Дмитрієв О.П., Лісова Г.М., Кучерова Л.О. Комбінована дія донора NO та ферулової кислоти для індукування стійкості *Triticum aestivum* проти *Septoria tritici* 240 Zhuk I.V., Dmitriev A.P., Lysova G.M., Kuchero-va L.O. The combination of NO donor and ferulic acid effect on the elicitation of *Triticum aestivum* tolerance against *Septoria tritici*
- Жук В.В., Міхєєв О.М., Овсяннікова Л.Г. Адаптація рослин кукурудзи до хронічного ультрафіолетового опромінення 246 Zhuk V.V., Mikhteyev A.N., Ovsyannikova L.G. Adaptation of corn plants to chronic ultraviolet irradiation
- Замбріборщ І.С., Шестопал О.Л., Бойко М.С. Генотипові особливості морфогенетичних реакцій сортів і гібридів F₁ пшениці озимої м'якої за проходження різних етапів андрогенезу *in vitro* 252 Zambriborshch I.S., Shestopal O.L., Boyko M.S. Genotypic features of morphogenetic reactions of varieties and hybrids F₁ of winter soft wheat during various stages of androgenesis *in vitro*
- Ковтун С.І., Зюзюн А.Б., Щербак О.В., Троцький П.А. Використання нанобіотехнологічних методів для оптимізації технології культивування ооцитів корів поза організмом 257 Kovtun S.I., Zyuzyn A.B., Shcherbak O.V., Trotskiy P.A. Applying the nanobiotechnological methods for optimize the *in vitro* cultivation technology for cows oocytes
- Комісаренко А.Г., Михальська С.І., Христан О.О. Частота інтеграції Т-ДНК за генетичної трансформації тютюну (*Nicotiana tabacum* L.) 262 Komisarenko A.G., Mykhalska S.I., Khrystan O.O. The frequency of T-DNA integration during the genetic transformation of tobacco (*Nicotiana tabacum* L.)
- Кондрацкая І.П., Юхимук А.Н., Чижик О.В., Решетников В.Н., Столепченко В.А., Васько П.П. ДНК паспортизація сортообразцов и гибридов многолетних злаковых трав 267 Kondratskaya I.P., Yukhimuk A.N., Chizhik O.V., Reshetnikov V.N., Stolepchenko V.A., Vasko P.P. DNA certification of varieties and hybrids of perennial grass cops
- Кравець Н.Б., Тулайдан В., Мосула М.З., Дробик Н.М. Мікроклональне розмноження та калусогенез деяких видів роду *Carlina* L. 274 Kravets N.B., Tulaidan N.V., Mosula M.Z., Drobyk N.M. Microclonal propagation and callus induction of some species of *Carlina* L. genus
- Лук'янчук В.В., Поліщук Л.В. Клонування послідовності гомологічного crt-кластера в *Streptomyces globisporus* 1912-бп 282 Lukyanchuk V.V., Polishchuk L.V. Cloning of sequence of homologous crt-cluster in *Streptomyces globisporus* 1912-бп
- Мацевич Л.Л., Пануга О.Є., Рубан Т.П., Берегова Т.В., Лукаш Л.Л. Оптимізація виготовлення клітиновмісних дермальних покриттів для лікування опіків на моделі *in vivo* 287 Macewicz L.L., Papuga A.Ye., Ruban T.P., Beregova T.V., Lukash L.L. Optimization of containing dermal coverages production for burn wound treatment at *in vivo* model

- Михальська С.І., Комісаренко А.Г., Курчій В.М., Тищенко О.М. Генетична трансформація *in planta* пшениці озимої (*Triticum aestivum* L.) 293 Mykhalska S.I., Komisarenko A.G., Kurchii V.M., Tishchenko O.M. *Agrobacterium*-mediated *in planta* genetic transformation of winter wheat (*Triticum aestivum* L.)
- Овчаренко О.О., Рудас В.А., Щербак Н.Л., Кучук М.В. Отримання трансгенних рослин картоплі (*Solanum tuberosum* L.), що містять антизмістовну послідовність гена проліндегідрогенази 299 Ovcharenko O.O., Rudas V.A., Shcherbak N.L., Kuchuk M.V. Obtaining of transgenic potato plants (*Solanum tuberosum* L.) that contain anti-sense sequence of prolindehydrogenase gene
- Пикало С.В., Дубровна О.В. Рівень плоїдності рослин-регенерантів тритикале, отриманих шляхом селекції *in vitro* на стійкість до абіотичних стресів 305 Pykalo S.V., Dubrovna O.V. The ploidy level of triticale plant regenerants, obtained by *in vitro* selection for resistance to abiotic stresses
- Пчеловська С.А., Литвінов С.В., Шиліна Ю.В., Листван К.В., Жук В.В., Соколова Д.О., Тонкаль Л.В., Салівон А.Г., Нестеренко О.Г. Вплив передпосівного опромінення насіння ромашки лікарської на накопичення флавоноїдів 311 Pchelovska S.A., Litvinov S.V., Shylina Yu.V., Lystvan K.V., Zhuk V.V., Sokolova D.O., Tonkal L.V., Salivon A.G., Nesterenko O.G. Presowing radiation exposure of *Chamomilla recutita* L. seeds affects on flavonoid accumulation
- Сергеева Л.Е., Бронникова Л.И. Клеточная селекция с ионами тяжелых металлов для отбора форм пшеницы и кукурузы, устойчивых к осмотическим стрессам 318 Sergeeva L.E., Bronnikova L.I. Cell selection with heavy metal ions for obtaining wheat and maize forms tolerant to osmotic stresses
- Цуварев О.Ю., Старожук О.В., Карпова І.С., Пальчиковська Л.Г., Заїка Л.А., Ширіна Т.В., Лило В.В., Корнелюк О.І. Неканонічні ДНК-з'язувальні властивості потенційних компонентів протипухлинної композиції (цитокін AIMP1/p43, лектин SNA, ізатізон), які здатні впливати на різні мішені 323 Tsuvariev O.Y., Starozhuk O.V., Karpova I.S., Palchykovska L.G., Zayika L.A., Shyrina T.V., Lylo V.V., Kornelyuk O.I. Noncanonical DNA-binding properties of potential components of an antitumor composition (cytokine AIMP1/p43, lectin SNA, izatizon), which are able to affect different targets
- Dzanaieva L.S., Dmytruk K.V., Sibirny A.A. Transcriptional factor Cat8 is involved in regulation of xylose fermentation in engineered *Saccharomyces cerevisiae* 329 Dzanaieva L.S., Dmytruk K.V., Sibirny A.A. Транскрипційний фактор Cat8 залучений в регуляцію ферментації ксилози в рекомбінантному штамі *Saccharomyces cerevisiae*

БІОІНФОРМАТИКА ТА КОМП'ЮТЕРНА БІОЛОГІЯ

Карпов П.А., Демчук О.М., Раєвський О.В., Ожередов С.П., Співак С.І., Самофалова Д.О., Блюм Я.Б. Застосування високопропускного віртуального скринінгу в Грід для пошуку нових інгібіторів тубуліну фітопатогенних грибів

BIOINFORMATICS AND PROTEIN ENGINEERING

335 Karpov P.A., Demchuk O.M., Rayevsky O.V., Ozheredov S.P., Spivak S.I., Samofalova D.O., Blume Ya.B. A high-throughput virtual screening in Grid for new tubulin-targeted inhibitors of plant fungal pathogens

- Карпов П.А., Снівак С.І., Раєвський О.В., Нупорко О.Ю., Ожерєдов С.П., Блюм Я.Б.* Оцінка структурних особливостей взаємодії глазіовіаніну А з α -, β - та γ -тубулінами людини 340 *Karpov P.A., Spivak S.I., Raevsky O.V., Nyporko O.Y., Ozheredov S.P., Blume Y.B.* Assessment of structural peculiarities of glaziovianin A interaction with human α -, β - and γ -tubulins
- Підпала О.В., Лукаш Л.Л.* Аналіз ортологів гена *MGMT* людини у найпростіших еукаріот 345 *Pidpala O.V., Lukash L.L.* The analysis of human *MGMT* gene orthologous in protists

ІСТОРИЯ БІОЛОГІЇ, ПИТАННЯ ВИКЛАДАННЯ ГЕНЕТИКИ, СЕЛЕКЦІЇ ТА ЕВОЛЮЦІЙНОЇ ТЕОРІЇ

HISTORY OF BIOLOGY, TEACHING OF GENETICS, BREEDING AND EVOLUTIONARY THEORY

- Атраментова Л.А.* Курс антропогенетики в классическом университете 352 *Atramentova L.A.* The course of anthropogenetics in a classical university
- Бородіна К.І., Кмець А.М.* Модель методичної системи навчання генетики в 10 класі за програмою «Біологія і екологія» 357 *Borodina K.I., Kmets A.M.* Model of methodical system of genetic education in form 10 by the program "Biology and ecology"
- Гуменюк Г.Б., Мосула М.З., Чень І.Б., Дробик Н.М.* Геній Джеймса Уотсона (до 90-річчя від дня народження) 363 *Humeniuk H.B., Mosula M.Z., Chen I.B., Drobik N.M.* James Watson's genius (dedicated to the 90th birth anniversary)
- Лавров В.В., Блінкова О.І.* Методологічні проблеми біотичної діагностики антропогенної трансформації лісових екосистем за рівнями організації життя 368 *Lavrov V., Blinkova O.* Methodological problems of biotic diagnostics of antropogenic transformation of forest ecosystems at the levels of organization of life
- Михеев А.Н., Протасов А.А.* Эволюция биотических и биокосных систем стохастического и структурного типа 374 *Mikhyeyev A., Protasov A.* Evolution of the stochastic and structural type ecosystem
- Еткало Е.Н.* Не забытое имя В.П. Эфроимсона (1908–1989) 381 *Etkalo E.N.* Do not forget the name of V.P. Efromson (1908–1989)

ВОРОНОВА Н.В.✉, **ВОРОБЬЁВА М.М.**, **БОНДАРЕНКО Ю.В.**

Белорусский государственный университет,

Беларусь, 220030, г. Минск, пр. Независимости, 4,

✉ nvoronova@bsu.by, ninavvoronova@gmail.com, (375) 29-620-20-00

ВАРИАБЕЛЬНОСТЬ ГЕНОВ CYP4 И CYP6 У ТЛЕЙ *APHIS FABAE MORDVILKOI* BÖRNER & JANISCH, 1922

Цель. Оценить вариабельность генов CYP450 4-го и 6-го семейств, извлеченных их данных полногеномного секвенирования тли *Aphis fabae mordvilkoï*, развивающейся в Беларуси на чубушнике (*Philadelphus coronaries* L.). **Методы.** Секвенирование генома тлей провели в Центре секвенирования ДНК Университета штата Юта (г. Солт-Лейк-Сити, США). Последовательности генов CYP4 и CYP6 были извлечены из пула прочтений генома путем последовательной фильтрации выравниваний прочтений по референсным последовательностям генов CYP450 4-го и 6-го семейства, извлеченных из 3 находящихся в открытом доступе геномов тлей (*Acyrtosiphon pisum* Harris, 1776, *Muzus persicae* (Sulzer, 1776) и *Diuraphis noxia* (Mordvilkoëx-Kurdjumov, 1913)). Все обнаруженные уникальные варианты сборки оценивали как индивидуальный ген. **Результаты.** В геноме *A. fabae mordvilkoï* обнаружен 31 ген CYP4, из которых 24 представляют собой варианты гена CYP4C1. В семействе CYP6 обнаружено 19 генов, 8 из которых представляют собой варианты CYP6A13. Вариабельность нуклеотидных и аминокислотных последовательностей CYP4 и CYP6 у *A. fabae mordvilkoï* оказалась в равной степени высокой. **Заключение.** В геноме тли *A. fabae mordvilkoï* среди генов CYP450 семейства CYP4 преобладают гены CYP4C1, а гены CYP6 представлены преимущественно генами CYP6A13. Остальные гены указанных семейств представлены в геноме *A. fabae mordvilkoï* единичными копиями.

Ключевые слова: тли, цитохромы р450, *Aphis fabae*, трофическая специализация, копияность генов.

Тли (Aphidoidea) это некрупный таксон растительноядных насекомых, обладающих рядом особенностей биологии, в частности таких, как облигатный партеногенез, сложный биологический цикл со сменой растений-хозяев и полифенизм, что делает их интересным модель-

ным объектом для изучения процессов экологической диверсификации и связанного с этим видообразования [1]. Большинство видов тлей тесно связаны с конкретными видами кормовых растений, которые представляют собой не только источник питания и влаги, но и фактически являются их средой обитания. Особый микроклимат, формируемый кормовым растением, с его влажностью, освещенностью и привлекательностью для энтомофагов и, что более важно, состав вторичных метаболитов кормового растения определяет перечень видов тлей, способных на нем питаться и размножаться [2]. Этот перечень жестко детерминирован, что позволяет использовать способность к питанию и репродукции на конкретном растении как важный видовой признак в таксономии тлей. Около 1 % рецентных видов тлей, однако, являются истинно многоядными, и круг их кормовых растений включает тысячи видов из десятков ботанических семейств. Из 35 видов тлей, которых Blackman и Eastop относят к числу полифагов [3], 32 относятся к наиболее молодому и процветающему семейству Aphididae и только 3 – к семейству Eriosomatidae.

Возникновение полифагии у тлей, как считается, является эволюционно прогрессивным приобретением. По общепринятому мнению [4], полифагия требует от тлей развития чрезвычайно гибких биохимических механизмов, обеспечивающих нейтрализацию вторичных метаболитов растений, многие из которых имеют направленную инсектицидную активность. Вероятно, по этой причине эволюция тлей в основной массе шла по пути адаптации к питанию на ограниченном числе кормовых растений [5], несмотря на то, что полифагия предоставляет неоспоримые преимущества. До сих пор не известно, в чем причина того, что полифагия среди тлей остается чрезвычайно редким явлением: связано это с высокой «метаболической стоимостью» нейтрализации колоссально многообразия вторичных метаболитов расте-

© **ВОРОНОВА Н.В.**, **ВОРОБЬЁВА М.М.**, **БОНДАРЕНКО Ю.В.**

ний, или способность к полифагии является эволюционным новшеством, которое, благодаря выраженным преимуществам такого рода трофической стратегии, будет распространяться по таксону с течением эволюционного времени.

Молекулярные механизмы полифагии полностью не ясны. Существует мнение, что полифагия обеспечивается гиперинтенсификацией работы системы детоксикации, включающей группу белков: эстераз, глутатион-S-трансфераз и цитохромов р450, а в частности CYP4504-го и 6-го семейств, которые непосредственно ассоциированы с нейтрализацией ксенобиотиков [6]. При этом эволюция системы детоксикации идет не только по пути усиления экспрессии генов, кодирующих входящие в нее ферменты, но и по пути физического увеличения числа копий генов, кодирующих белки определенных семейств. До сих пор, однако, изучение особенностей геномов тлей, отличающихся способностью к полифагии, не было осуществлено на уровне, позволяющем делать заключения о том, является ли увеличение копияности генов общим признаком многоядных видов тлей.

В Международных базах данных нуклеотидных последовательностей NCBI GenBank и AphidBase по состоянию на 2017 г. были представлены 6 полных геномов тлей, среди которых только один вид – *Myzus persicae* (Šulzer, 1776) – относится к полифагам. Мы провели полногеномное секвенирование для другого представителя семейства Aphididae, также относящегося к полифагам, – *Aphis fabae* subsp. *mordvilkoii* Börner&Janisch, 1922, который в Беларуси является фоновым и входит в перечень вредителей культивируемых растений. На этом этапе исследования мы оценили число и вариабельность генов 4-го и 6-го семейств цитохромов р450 (CYP4 и CYP6 соответственно) в сравнении с этими же показателями у *M. persicae* и других видов тлей, чьи геномы в настоящее время доступны.

Материалы и методы

Тли *A. fabae mordvilkoii* были коллектированы с чубушника венечного (*Philadelphus coronaries* L.) в г. Минск. Видовая принадлежность образцов была дополнительно верифицирована по последовательности гена COI. Полногеномное секвенирование провели в Центре ДНК-секвенирования Университета штата Юта (г. Солт-Лейк-Сити, США). Данные секвенирования были получены из препаратов тотальной

ДНК тлей на основании двух отдельных библиотек секвенирования с использованием секвенатора IonTorrent Proton и представляли собой «single-end» прочтения. Исходные данные содержали 82 480 385 прочтений общей длиной 11 553 721 036 нуклеотидов, длиной от 25 до 390 и средней длиной 140 нуклеотидов.

Поскольку данные оценки размера генома исследуемого вида путем проточной цитофлуориметрии отсутствуют, при оценке глубины покрытия генома мы ориентировались на средний размер генома, рассчитанный для четырех других видов рода *Aphis*: *A. craccivora*, *A. glycines*, *A. gossypi* и *A. nerii*. Средний размер генома, таким образом, составил 356 875 000 пар нуклеотидов, что позволило нам рассчитать предположительную глубину покрытия генома *A. fabae mordvilkoii*, которая составила 32,375 раза.

Оценка качественного и количественного состава данных была произведена с использованием программы FastQC версии 0.11.7. Обрезку и фильтрацию прочтений производили в программе Trimmomatic версии 0.36. Выбранные параметры обработки: CROP=200, MINLEN=130. После удаления коротких прочтений и обрезки некачественных концов пула данных составил 61 724 382 прочтения общей длиной 9 852 001 469 и средней длиной 160 нуклеотидов.

После очистки исходных данных провели приблизительную оценку ширины покрытия генома *A. fabae mordvilkoii*. Поскольку секвенирование генома для данного вида производилось впервые, для оценки ширины покрытия использовали геном тли *A. glycines* в качестве референсного. Ширину покрытия оценивали по результатам маппинга прочтений генома *A. fabae mordvilkoii* на референсный геном. Маппинг проводили по алгоритму Bowtie2, а результаты маппинга оценивали с использованием утилиты «bedtoolsgenomecov». Ширина покрытия референсного генома составила 76,31 % со средней глубиной – 23,5 раза.

Последовательности генов CYP4 (CYP4C1, CYP4C3 CYP4G15, CYP4V2) и CYP6 (CYP6A2, CYP6A13, CYP6A14, CYP6B1, CYP6J1, CYP6K1) были извлечены из пула прочтений генома путем последовательной фильтрации выравниваний прочтений по белок-кодирующим областям генов CYP450 4-го и 6-го семейства, которые, в свою очередь извлекли из 3, находящихся в открытом доступе, геномов тлей

(*A. pisum*, *M. persicae* и *D. noxia*), ориентируясь на сопровождающие геномы аннотации. Еще 3 доступных генома тлей использованы в этой работе не были, т. к. они не сопровождаются достаточно подробной аннотацией генов CYP450.

Алгоритм сборки генов CYP4 и CYP6 прочтений генома *A. fabae mordvilko* состоял из следующих шагов:

1) выравнивание прочтений генома *A. fabae mordvilko* по полному референсному геному;

2) извлечение «островов», собранных на участках референсного генома, которые, согласно аннотации, представляют собой белок-кодирующие области генов CYP4 и CYP6 (фильтрация аннотации генома в формате GFF3 по колонке описания с удалением всех записей, не соответствующих генам CYP450 4 и 6 семейств, и последующая фильтрация результатов выравнивания с использованием утилиты «bedtoolsintersect»);

3) построение из выровненных прочтений консенсусной последовательности (с использованием утилиты «vcf-consensus»);

4) использование оставшихся после выравнивания прочтений (фильтрация результатов выравнивания утилитой «samtoolsview» с последующей конвертацией результатов утилитой «bedtoolsbamtofastq») для выравнивания по следующему референсному геному (повторение шагов 1–4).

Последовательным перебором референсов было установлено, что порядок использования референсных геномов на полученные результаты влияния не имел.

Для верификации определения полученных консенсусных последовательностей как CYP4 и CYP6, а также для выявления в этих последовательностях белок-кодирующих областей (CDS) использовали систему BLAST(NCBI).

Таблица 1. Количество генов CYP450 4-го семейства у *Aphis fabae mordvilko* в сравнении с референсными геномами

Гены	Количество копий генов, обнаруженных в геноме соответствующих видов тлей			
	<i>Aphis fabae mordvilko</i>	<i>Myzus persicae</i>	<i>Acyrtosiphon pisum</i>	<i>Diuraphis noxia</i>
CYP4C1	24	18	21	13
CYP4C3	1	–	2	–
CYP4G15	2	1	4	3
CYP4V2	4	–	2	3
Всего генов	31	19	29	19

Примечание. «-» – гены в геноме не обнаружены.

Для CDS каждого гена в отдельности была проверена рамка считывания, после чего нуклеотидные последовательности белок-кодирующих областей генов были транслированы в аминокислотные последовательности.

Выравнивание аминокислотных последовательностей осуществили в программе MEGA7 с использованием алгоритмов Muscle и ClustalW (алгоритмы использовались поочередно). Парные дистанции между аминокислотными последовательностями также рассчитали в программе MEGA7 [7, 8].

Генные деревья построили с использованием Байесовского анализа методом Монте-Карло для Марковских цепей (MCMC) в программе BEAST2 версии 2.4.7. Аннотацию деревьев провели в программе FigTree версии 1.4.3.

Результаты и обсуждение

В процессе дополнительной верификации в программе BLAST все аминокислотные последовательности были распознаны как соответствующие последовательности CYP4 и CYP6 с высоким процентом идентичности (91–100 %) и перекрытия (99–100 %).

В результате в геноме *A. fabae mordvilko* была обнаружена 31 последовательность, соответствующая генам CYP4 референсных геномов (табл. 1).

Что касается генов CYP6 еще одного семейства цитохромов р450, отвечающего за детоксикацию у насекомых, то в геноме *A. fabae mordvilko* обнаруживается больше генов, чем это было показано для CYP4, но каждый ген представлен в геноме меньшим числом копий (табл. 2).

На основе аминокислотных последовательностей также построили дендрограммы и рассчитали апостериорную вероятность топологии ветвей (рис.).

Таблица 2. Количество генов CYP450 6-го семейства у *Aphis fabae mordvilkoii* в сравнении с референсными геномами

Гены	Количество копий генов, обнаруженных в геноме соответствующих видов тлей			
	<i>Aphis fabae mordvilkoii</i>	<i>Myzus persicae</i>	<i>Acyrtosiphon pisum</i>	<i>Diuraphis noxia</i>
CYP6A2	1	1	1	1
CYP6A13	8	7	13	8
CYP6A14	4	4	3	5
CYP6B1	1	–	2	3
CYP6J1	1	1	1	1
CYP6K1	4	5	4	3
Всего генов	19	18	24	21

Примечание. «-» – гены в геноме не обнаружены.

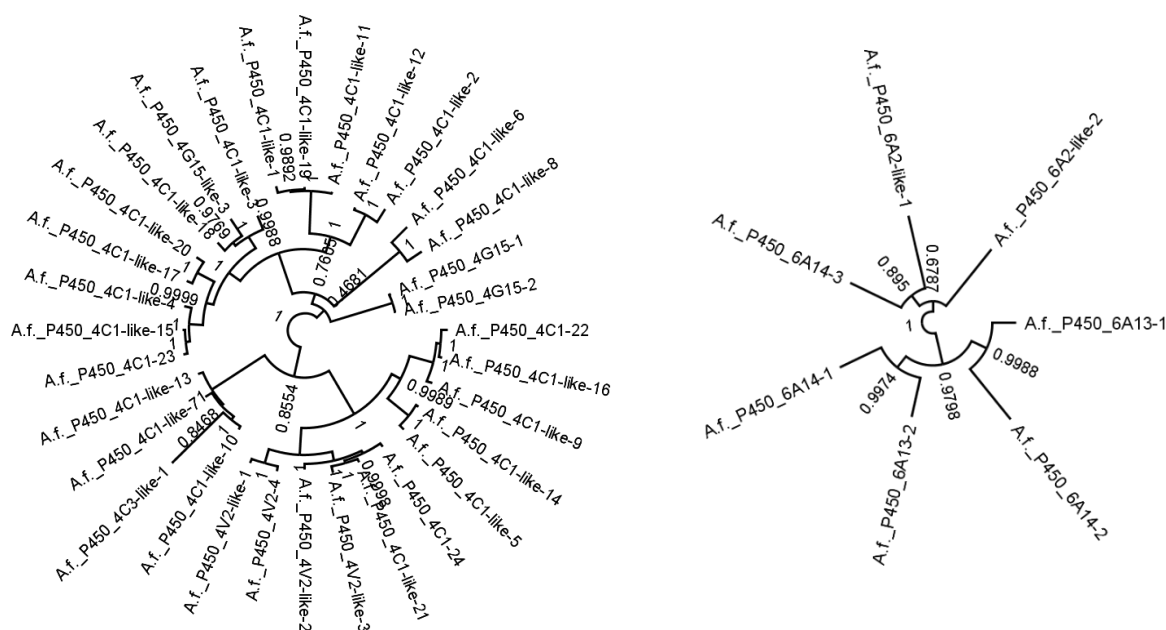


Рис. Дендрограммы сходства аминокислотных последовательностей белок-кодирующей области генов CYP4 (слева) и CYP6 (справа) *Aphis fabae mordvilkoii*.

Оказалось, что аминокислотные последовательности CYP4C1 образуют два крупных кластера, в один из которых входят также последовательности CYP4G15, а в другой – последовательности CYP4V2, причем последовательности CYP4G15 отделяются от своего кластера сразу же после разделения CYP4C1 на две группы. На дендрограмме, построенной для аминокислотных последовательностей CYP6, видно, что последовательности CYP6A14 не образуют единый кластер, объединяясь с остальными генами семейства CYP6. Апостериорная вероятность, поддерживающая отдельные ветви на дендрограмме, тем не менее, была высока. Высокое значение апостериорной вероятности топологии ветвей подтверждает предположение о

происхождении генов семейств CYP450 в результате дупликации исходного гена.

Выводы

В результате анализа данных полногеномного секвенирования тлей *A. fabae mordvilkoii* оказалось, что в геноме этих тлей обнаруживается 50 последовательностей генов суперсемейства CYP450, относящихся к семействам, ассоциированным с трансформацией ксенобиотиков CYP4 и CYP6). В семействе CYP4 обнаружена 31 копия гена, из которых 24 представляют собой ген CYP4C1. В семействе CYP6 обнаружено 19 копий генов, 8 из которых идентифицируются как CYP6A13.

Література

1. Brisson J.A., Stern D.L. The pea aphid, *Acyrtosiphon pisum*: an emerging genomic model system for ecological, developmental and evolutionary studies. *Bio Essays*. 2006. Vol. 28, Iss. 7. P. 747–755. doi: 10.1002/bies.20436.
2. Hawthorne D.J., Via S. Genetic linkage of ecological specialization and reproductive isolation in pea aphids. *Nature*. 2001. P. 904–907. doi: 10.1038/35091062.
3. Blackman R.L., Eastop V.F. Aphids on the world's herbaceous plants and shrubs. Vol. 2, The aphids. John Wiley & Sons, 2008. 1460 p.
4. Dowd P.F., Smith C.M., Sparks T.C. Detoxification of plant toxins by insects. *Insect Biochemistry*. 1983. Vol. 13, No. 5. P. 453–468. doi: 10.1016/0020-1790(83)90002-1.
5. Powell G., Tosh C.R., Hardie J. Host-plant selection by aphids: Behavioral, evolutionary, and applied perspectives. *Annual Review of Entomology*. 2006. Vol. 51. P. 309–330. doi: 10.1146/annurev.ento.51.110104.151107.
6. Ferry N., Edwards M.G., Gatehouse J.A. Plant-insect interactions: molecular approaches to insect resistance. *Current Opinion in Biotechnology*. 2004. Vol. 15, Iss. 2. P. 155–161. doi: 10.1016/j.copbio.2004.01.008.
7. Zuckerkandl E., Pauling L. Evolutionary divergence and convergence in proteins. Edited in *Evolving Genes and Proteins*. New York: Academic Press, 1965. P. 97–166.
8. Kumar S., Stecher G., Tamura K. MEGA7: Molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution*. 2016. Vol. 33. P. 1870–1874.

VORONOVA N.V., VARABYOVA M.M., BANDARENKA Y.V.

Belarusian State University,

Belarus, Minsk, e-mail: nvoronova@bsu.by, ninavvoronova@gmail.com

CYP4 AND CYP6 GENE VARIABILITY IN GENOME OF APHIS FABAE MORDVILKOI BÖRNER & JANISCH, 1922

Aim. To estimate the variability of genes of 4th and 6th families of CYP450, which were extracted from the whole genome data of *Aphis fabae mordvilkoii* collected from *Philadelphus coronaries* L. in Belarus. **Methods.** The whole genome sequencing was carried out in the University of Utah DNA Sequencing and Genomic Core Facilities (USA). CYP4 and CYP6 gene sequences were extracted from the whole genome data by sequential mapping the whole genome reads to CYP4 and CYP6 CDSs of three reference genomes (*Acyrtosiphon pisum* Harris, 1776, *Myzus persicae* (Sulzer, 1776) и *Diuraphis noxia* (MordvilkoexKurdjumov, 1913)). All found unique version of assembling were taken as a single gene. **Results.** In *A. fabae mordvilkoii* genome we found out 31 CYP4 genes and 24 from them were copies of CYP4C1s. We also found out 19 CYP6 gene sand 8 from them were identified as CYP6A13s. Variability of nucleotide an damino acid sequences of CYP4 and CYP6 CDSs were high. **Conclusions.** In *A. fabae mordvilkoii* genome most CYP4 genes were identified as CYP4C1 and most CYP6 genes were CYP6A13s. Other CYP4 and CYP6 were mostly presented as single copies of different genes.

Keywords: aphids, cytochrome p450, *Aphis fabae*, trophic specialization, gene copies.

Воронова Н.В., Вороб'єва М.М., Бондаренко Ю.В.

Білоруський Державний Університет,

Білорусь, м. Мінськ, e-mail: nvoronova@bsu.by, ninavvoronova@gmail.com

ВАРІАБЕЛЬНІСТЬ ГЕНІВ СYP4 І СYP6 У ПОПЕЛИЦІ APHIS FABAE MORDVILKOI BÖRNER & JANISCH, 1922

Мета. Оцінити варіабельність генів СYP450 4-го і 6-го сімейств, витягнутих їхніх даних про повногеномне секвенування попелиці *Aphis fabae mordvilkoii*, що розвивається в Білорусі, на бузок (*Philadelphus coronaries* L.). **Методи.** Секвенування генома попелиць провели в Центрі секвенування ДНК Університету штату Юта (Солт-Лейк-Сіті, США). Послідовності генів СYP4 і СYP6 були витягнуті з пулу прочиток генома шляхом послідовної фільтрації вирівнювань прочиток по референсним послідовностям генів СYP450 4-го і 6-го сімейства, витягнутих з 3 знаходяться у відкритому доступі геномів попелиць (*Acyrtosiphon pisum* Harris, 1776, *Myzus persicae* (Sulzer, 1776) і *Diuraphis noxia* (MordvilkoexKurdjumov, 1913)). Всі виявлені унікальні варіанти збірки оцінювали як індивідуальний ген. **Результати.** У геномі *A. fabae mordvilkoii* виявлений 31 ген СYP4, з яких 24 є варіанти гена СYP4C1. У сімействі СYP6 виявлено 19 генів, 8 з яких є варіанти СYP6A13. Варіабельність нуклеотидних і амінокислотних послідовностей СYP4 і СYP6 у *A. fabae mordvilkoii* виявилася, рівною мірою, високою. **Висновки.** У геномі попелиці *A. fabae mordvilkoii* серед генів СYP450 сімейства СYP4 переважають гени СYP4C1, а гени СYP6 представлені переважно генами СYP6A13. Решта гени зазначених родин представлені в геномі *A. fabae mordvilkoii* одиничними копіями.

Ключові слова: попелиці, цитохроми р450, *Aphis fabae*, трофічна спеціалізація, копійність генів.